



Table1: Nucleotide Sequence of Enod2a Genomic Clone

GGATCCTTACACAGGCCAGACATCCCCAAGTTCTCA 36
BamHI
AATAAGACAAATTTGGTTGTTCTTTTCTTAATATTTACAGGGAGATGTTCTGTCTTTTG 96
ATTTGGGGATTTCATTTAGCACATAACAAACAGTTAACAAAATTTGCCCCACCAAAAAG 156
ATGTTGCACTAGAACTCAACATAGTAGCTACAACATAATTCTGTAAAAGTTCTGTTCTTTC 216
TTTCAGCTTTACCGTTCATTTTCAGGTGAATATGGAGCAGTTGTTTCATGTATGATTCCAT 276
GCAAAATTATAAACTCATTAACAACTGGAATCATACTCTGTGCCTCTATCACTTCGAA 336
GTTTCTTAATTTTCTTATTGAATTGATTTTCAATTTCTGTTACAAATAACTTAAACATGT 396
CAAGCGCTTCACTTTTATTTTTCATAAGATATACATATATATATAATCAGAGCAGTCATC 456
AATAAAAGTGATAAAATATCGTTTTCCATTTCTGGTCAACGTTCCATCAAATTCACATAT 516
ATCAGAATGTATTAAATCCAATGGCTCAGATTCTTTAACTACTGATTTTTGTGATTTTTT 576
AGTTATTTTAGATTGACTGCAAAAAACACACTTTTCAAAGTGATTGAAGATAGCTTTGG 636
AATAAAACCTAAGTTACTCATATTAGATATGCAACGACTATTTATATGACAAAGTCTAGA 696
ATGCCAGAATTAAATCACACAGCATGTAAGCAGAAGGAGAACTTTATTAATATCAAGA 756
TTCAATTTGAACATGCCATCAGTGGCGTACCCTTTCCCTACAAATACCCCATTTCTGGTC 816
AAAGTAAATAAATCTGCACCTATGGTCTGAGTAAACCCAGCCTTGTTTAAAAGAAAACCA 876
GAAACCAGATTCTTTCTCATCTCTGGAGTATGCATCACATCTTTGAGAATCAAAGTCTTT 936
CCAGAGGTAACTTCAGTTCAACATCTCCAGTTCTAGCAACAGTAGTGGTGTGGGAATCA 996

FIG. 2A

CCCAACAACACTTTCTTATTTTCAACATTTCGTGTATGTTTTAAACATAGCATGATCTTTA	1056
<u>Sau3A</u>	
TACTTGTATTTTTTTTTTGTGTTTAGTTTCTATACTTAAAAATTCTGTTTTATTATTTTTTA	1116
CGCCTTAGTTTTCTAGCAATCTAAAACTGATATAAAATAGAAGTATAACGACTAAAACAT	1176
AAAAAAAAAAAAATTGTATAAAAAATAAAGCATATAGCTTTCATTCATATATAAGAACTAA	1236
ACTGAAATACCAGTGTAAGTATAAGAACTAATCGATAAATTAAGCCAAATTAAGGGTACA	1296
TATTATTTTTAAGAAAATTAGGCCGGGTATATATTTTTTAAAAGGACTATACACTATGTG	1356
ACGATAGAAATAATAGGTATGTAGATGTATGTTAAGTATTTTCTAATGTGTTTTTACTT	1416
TCTCTATCACACTTGTTATTTTCT <u>CACT</u> ATTTTTTCTCTTGTCTCTGTTATTTTCAC	1476
TCTAAAACTGGAGT <u>TAATAT</u> GTTTATGACTACAACACATTTTGACATGACTTAGGATTAAC	1536
<u>Hind3</u>	
ATATATTATGATAAAAAATACTAAAGATTGATAACCTTGATAGAAAAGCTTCTCATGTCTC	1596
TS ± 20	
CTCTCCCTATAAGTAGTTTCCCATTGTTATCACTTTTTCATCAGCACAAGCTAAGACATGA	1656
ORF1 M	
CTTCTGTACTACACTACTCACTCCTGCTGCTCCTGCTTGGAGTGGTGATTCTCACCACCTC	1716
T S V L H Y S L L L L L L G V V I L T T	
CAGTGCTAGCTAATTTGAAGCCACGCTTCTTCTATGAGCCTCCTCCAATTGAGAAACCCC	1776
P V L A N L K P R F F Y E P P P I E K P	
OF2 M S L L Q L R N P	
CCACCTATGAACCTCCACCATTTTATAAGCCCCCATACTACCCACCACCAGTGCACCACC	1836
P T Y E P P P F Y K P P Y Y P P P V H H	
P P M N L H H F I S P H T T H H Q C T T	
CTCCACCAGAGTACCAACCACCCCATGAAAAAACACCACCTGAGTATCTACCTCCTCCTC	1896
P P P E Y Q P P H E K T P P E Y L P P P	
L H Q S T N H P M K K H H L S I Y L L L	
ATGAGAAACCACCACCAGAATACCTACCTCCTCATGAGAAACCGCCACCAGAATACCAAC	1956
H E K P P P E Y L P P H E K P P P E Y Q	
M R N H H Q N T Y L L M R N R H Q N T N	

CTCCTCATGAGAAACCACCCCATGAGAATCCACCACCGGAGCACCAACCACCTCATGAGA P P H E K P P H E N P P P E H Q P P H E L L M R N H P M R I H H R S T N H L M R	2016
AGCCACCAGAGCACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAGTATGAACCACCTCATG K P P E H Q P P H E K P P P E Y E P P H S H Q S T N H L M R S H H Q S M N H L M	2076
AGAAACCACCACCAGAATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAATACCAACCAC E K P P P E Y Q P P H E K P P P E Y Q P R N H H Q N T N H L M R S H H Q N T N H	2136
CTCATGAGAAACCACCACCAGAATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAGCACC P H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H L M R N H H Q N T N H L M R S H H Q S T	2196
AACCACCTCATGAGAAGCCACCAGAGCACCAGCCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAGT Q P P H E K P P E H Q P P H E K P P P E N H L M R S H Q S T S H L M R S H H Q S	2256
ATCAACCACCTCATGAGAAACCACCACCAGAATACCAACCTCCTCAAGAAAAGCCACCAC Y Q P P H E K P P P E Y Q P P Q E K P P I N H L M R N H H Q N T N L L K K S H H	2316
ATGAAAAACCACCGCCAGAATACCAACCTCCTCATGAAAAGCCACCACCAGAACACCAAC H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q M K N H R Q N T N L L M K S H H Q N T N	2376
CTCCCCATGAAAAGCCACCACCAGTGTACCCACCCCCTTATGAGAAACCACCACCAGTGT P P H E K P P P V Y P P P Y E K P P P V L P M K S H H Q C T H P L M R N H H Q C	2436
ATGAACCCCTTATGAGAAGCCACCCCCAGTAGTGTATCCACCTCCTCATGAGAAACCAC Y E P P Y E K P P P V V Y P P P H E K P M N P L M R S H P Q * (SEQ ID NO:3)	2496
CCATTTATGAGCCACCGCCATTGGAGAAGCCACCGGTCTACAATCCCCCACCTTATGGCC P I Y E P P P L E K P P V Y N P P P Y G	2556
GCTATCCACCATCCAAGAAAACTAATAACCACTTGCCTGCGTCACATGTTTGGTCTAC R Y P P S K K N * (SEQ ID NO:2)	2616
TCAAACCTTAGACCTGCCCTTTGTCATATAAAGCTTTCTGTTTCTGTTTAAGATCTCAAGT <u>Hind3</u>	2676
ACAAATATGTCCCTTCTGCATGCACTACTTCTTCAAAATAAAGGCTTTATGCCTATGTATA	2736
ATACTCTACTTTAATTCTCCTTTCACCATCGATATTGTAATGTCAACTACTAGTGTGGGT	2796
TTATCTATGGCTATAATAAGTTTTTCTTTGTGTTTACTTATGAGTCTTTGTTTTTAATTG	2856

FIG. 2C

CATGCTAAAAATTGGCAAAACATATATAATTCTGTTTCGTACATGTTTTATTTTATGAAC	2916
TTCATAAGTACCGGTAAAGCAATGATAATGTGTAAAGTTGCTTGGTCTATATATATGTTT	2976
AAATACACATATCTCTAAACCGTCAATGAGAAATACTCTCTGTACCTGTTTATTCAACTT	3036
GGAAAACTAAACCACATAATAAAC (SEQ ID NO:1)	3060

FIG. 2D

Table 2: Nucleotide Sequence of Enod2b Genomic Clone

AAGCTTGACAAAAGATAAATGCTTTGTGGGGTGGCGTAGCGTCTTTATGCAGCAATGGTT <u>Hind3</u>	60
TATGTAATTTATGTAATGGGGTGGTCACTCCTAGTGACTGCCTCTGTGTTATGATTAAT	120
GAAATGTTTTGCTTTTTTCGAAAAGAACAAAAATCCTTAAGTTCACCCCATTTGTAAATA	180
GTCTCTTACATTGAATTGGGGTTGAATTATTAAAGAAGAAATCTCAACTACTTATTTATT	240
TTAAATTTCAATCATTTATTAGTTAATTTTATAAATCACTTTTCTAAATATTAAAAATA	300
TAATAAAACTCTTCTAAAAACATAATAAAATTAATAACTAAAATAAATAAATTATTTTTT	360
ATTGGTATTTATTTTTGTTTTTTTTTTTTCTAAATTCATATTCTTTTACTTATGTTTTAA	420
TAGACAAAAAACTGATTTGTAAACNNNNNCATGTATAGAAAACATTCCTTTAACCTATA	480
AAAAACTATCATTTAAATATTTTTTAAGATAATTATTATAAAAAATCAACAAACTTATTAA	540
TAATATATGATTCAATAATAATATATAAAATCTTTGCATCTAACATAAATTATAATAATA	600
TTACAATTTTTTCCTTTAAATCAATTTTACATTTTAAAAAATCAAATTAAATTCATATCC	660
GACTATTGCTGCGCATGATAGGCTCTAAAAGACCATCCCATTCACATATTAATATCTTAT	720
TCAACGTTAATCTGTGTTCTGTTAGATTCCAAAGATTCCAGTGAATAGTGATGGCTAAGA	780
ACAGTTTCTTGACCTTTCGCTAACAAGCAAGCCTACCTATACAAGCTCCAATTATTTTCT	840
TTTTTGAGGATTGCTCCATTTATTNNCCGACAAAACATACATGCATCTAAATGTGGCAGC	900
ATGCTAAAGTTTTTGGTGAGGCTATAGTAAATATGAAATAAAGATTTGAAGTTTCAGCCC	960
AATATAAAAAAAATTAATTCCTTCTGAAATGAAAAGAGTATCAAAGAAGATATAATCA	1020

FIG. 3A

GTAAAATCTTTTCATAAGCATTGATCTGGATACATCAACTTTGATGCGTTGGAAATACT	1080
GTGCTCAAGTTTGACAGCAATTCTTGGAAATTTTTCGCCACAACAGAAGCTCCAGACGAT	1140
TATGATTTATGACCTTATATGATGTTAGTTACGTGAAAGTAATTAGAATCGCATTTGCTA	1200
ACTATTAGCAATTTTTTTTTTTAAGCTAATGCAAGTGACAGAATCTTAGGTCTCTATAAT	1260
TTGAACCTGTGGCGGTGGAACTCGTACTTCATGTGCTGAAAAGAACTTGATATTTTTTTA	1320
AGGGAAATAATATATATCAATGCTCCTAAGTCCTAACTTTATCTTCTTTGGCAGCTAAA	1380
TTTACTTTAAAAAGAAATAAGATTAAATAACTTTTTCTTACAAGAAAATATATTTAATTA	1440
TTAATTGTAAAGTTTAACGTCTTTTATACATTTATTTGTTTTAAATTCCAGTCATCTTT	1500
TTAACATAATTCCAATCATTTATTAGTTTACTTTTATAAACAATAAAACATAATTAATT	1560
TTCAGATTAAAAAATAGATAGAAAGTTTTTAATTGTTTTTTATTATCAAATTTCAATTTT	1620
AACATATTTTATAATAGATAAAATGAATTGTAACAAATTAATGATTGACCTTATAGATAA	1680
GTAATTTAGCCAACAACCTTTTTTAGTATTAAATTGATAGAAAAATTAAGCTATATTTGGG	1740
GGGGGGGGGGTCAAGTTTAATGAAGTTAAAGTTCATTGAATATATTTGTAAAAAAGAT	1800
AAAGGGTTTAAGCTCTAATAGAGATAATATTTAAGGACTTAATTAATTATTTGATCTTTA	1860
TACTTGATTTTTTTTTTTGTTTTAGTTTCTATACTTAAAAATTCTGTTTTATTATTTTTA	1920
CGCCTTAGTTTCTAGCAATCTAAAACTGATATAAAATAGAAGTATAACGACTAAAACAT	1980
AAAAAAAAAAATTGTATAAAAAATAAAGCATATAGCTTTCATTCATATATAAGAACTAA	2040
ACTGAAATACCAGTGTAAGTATAAAGAACTAATCGATAAAATTAAGCCAAATTAAGGGTACA	2100

Sau3a

FIG. 3B

TATTATTTTAAAGAAAATTAGGCCGGGTATATATTTTAAAAAGGACTATACACTATGTG 2160

ACGATAGAAATAATAGGTATGTAGATGTATGTTAAGTATTTTCTAATGTGTTTTTACTT 2220

TCTCTATCACACTTGTATTTTCTCACTATTTTTTCTCTGTTTCTCTGTTATTTTCAC 2280

TCTAAAACTGGAGTAATATGTTTATGACTACAACACATTTTGACATGACTTAGGATTAAC 2340

ATATATTATGATAAAAATACTAAAGATTGATAACCTTGATAGAAGCTTCTCATGTCTCCT 2400
TS ± 20 Hind3

CTCCCTATAAGTAGTTTCCCATGTATCACTTTTCATCAGCACAAGCTAAGACATGACT 2460
ORF1 M T

TCTGTACTACACTACTCACTCCTGCTGCTCCTGCTTGGAGTGGTGATTCTCACCCTCCA 2520
S V L H Y S L L L L L L G V V I L T T P

GTGCTAGCTAATTTGAAGCCACGCTTCTTCTATGAGCCTCCTCCAATTGAGAAACCCCC 2580
V L A N L K P R F F Y E P P P I E K P P
ORF2 M S L L Q L R N P P

ACCTATGAACCTCCACCATTTTATAAGCCCCATACTACCCACCACCAGTGCACCACCCT 2640
T Y E P P P F Y K P P Y Y P P P V H H P
P M N L H H F I S P H T T H H Q C T T L

CCACCAGAGTACCAACCACCCCATGAAAAACACCACCTGAGTATCTACCTCCTCCTCAT 2700
P P E Y Q P P H E K T P P E Y L P P P H
H Q S T N H P M K K H H L S I Y L L L M

GAGAAACCACCACCAGAATACCTACCTCCTCATGAGAAACCGCCACCAGAATACCAACCT 2760
E K P P P E Y L P P H E K P P P E Y Q P
R N H H Q N T Y L L M R N R H Q N T N L

CCTCATGAGAAACCACCCCATGAGAATCCACCACCGGAGCACCAACCACCTCATGAGAAG 2820
P H E K P P H E N P P P E H Q P P H E K
L M R N H P M R I H H R S T N H L M R S

CCACCAGAGCACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAGTATGAACCACCTCATGAG 2880
P P E H Q P P H E K P P P E Y E P P H E
H Q S T N H L M R S H H Q S M N H L M R

AAACCACCACCAGAATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAATACCAACCACCT 2940
K P P P E Y Q P P H E K P P P E Y Q P P
N H H Q N T N H L M R S H H Q N T N H L

CATGAGAAACCACCACCAGAATACCAACCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAGCACCAA 3000
H E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q
M R N H H Q N T N H L M R S H H Q S T N

FIG. 3C

CCACCTCATGAGAAGCCACCAGAGCACCAGCCACCTCATGAGAAGCCACCACCAGAGTAT P P H E K P P E H Q P P H E K P P P E Y H L M R S H Q S T S H L M R S H H Q S I	3060
CAACCACCTCATGAGAAACCACCACCAGAATACCAACCTCCTCAAGAAAAGCCACCACAT Q P P H E K P P P E Y Q P P Q E K P P H N H L M R N H Q N T N L L K K S H H M K	3120
GAAAAACCACCGCCAGAATACCAACCTCCTCATGAAAAGCCACCACCAGAACACCAACCT E K P P P E Y Q P P H E K P P P E H Q P N H R Q N T N L L M K S H H Q N T N L P	3180
CCCCATGAAAAGCCACCACCAGTGTACCCACCCCCTTATGAGAAACCACCACCAGTGTAT P H E K P P P V Y P P P Y E K P P P V Y M K S H H Q C T H P L M R N H H Q C M N	3240
GAACCCCTTATGAGAAGCCACCCCCAGTAGTGTATCCACCTCCTCATGAGAAACCACCC E P P Y E K P P P V V Y P P P H E K P P P L M R S H P Q * (SEQ ID NO:6)	3300
ATTTATGAGCCACCGCCATTGGAGAAGCCACCGGTCTACAATCCCCACCTTATGGCCGC I Y E P P P L E K P P V Y N P P P Y G R	3360
TATCCACCATCCAAGAAAACTAATAACCACTTGCCTGCGTCACATGTTTGGTCTACTC Y P P S K K N * (SEQ ID NO:5)	3420
AAACTTAGACCTGCCCTTTGTCATATAAAGCTTTCTGTTTCTGTTTAAGATCTCAAGTAC <u>Hind3</u>	3480
AATATGTCCCTTCTGCATGCACTACTTCTTCAAAATAAAGGCTTTATGCCATGTATAAT	3540
ACTCTACTTTAATTCTCCTTTCACCATCGATATTGTAATGTCAACTACTAGTGTGGGTTT	3600
ATCTATGGCTATAATAAGTTTTTCTTTGTGTTTACTTATGAGTCTTTGTTTTTAATTGCA	3660
TGCTAAAAATTGGCAAAAACATATATAATTCTGTTCGTACATGTTTATTTTATGAACTT	3720
CATAAGTACCGGTAAAGCAATGATAATGTGTAAAGTTGCTTGGTCTATATATATGTTTAA	3780
ATACACATATCTCTAAACCTGTCAATGAGAAATACTCTTGTACCTTGTTTATTCAACT	3840
TGGGAGACTAAACCTA (SEQ ID NO:4)	3856

FIG. 3D